

王迎港, 张富, 吴贤锋, 等. 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃发酵及微生物多样性的影响 [J]. 福建农业学报, 2023, 38 (3): 262–270.

WANG Y G, ZHANG F, WU X F, et al. Effects of Substituting Refined Forage with Beer Lees on Digestion and Microbial Diversity of Hu Sheep Rumen [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2023, 38 (3): 262–270.

啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃发酵及微生物多样性的影响

王迎港¹, 张 富^{1,2}, 吴贤锋^{2,3}, 林云琴⁴, 李文杨^{2,3}, 刘 远^{2,3*}, 刘庆华^{1*}

[1. 福建农林大学动物科学学院 (蜂学学院), 福建 福州 350002; 2. 福建省农业科学院畜牧兽医研究所, 福建 福州 350013; 3. 福建省畜禽遗传育种重点实验室, 福建 福州 350013; 4. 福清市畜牧兽医技术服务中心, 福建 福清 350300]

摘 要:【目的】研究啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃发酵及微生物多样性的影响, 促进啤酒糟在湖羊饲养中的合理利用。【方法】选择体况良好、相近体重 (15.90 ± 0.36 kg) 的湖羊 24 只, 随机分为 4 组, 分别为饲喂基础饲料 (玉米+豆粕为精料, 占比 36%, I 组, CK) 及啤酒糟替代 1/3 (II 组)、2/3 (III 组) 和全部 (IV 组) 基础饲料中精料。试验结束后, 每组随机选取 3 只羊, 测定羊瘤胃发酵参数和瘤胃微生物多样性。

【结果】1) 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃的 pH 值、氨态氮、乙酸等挥发性脂肪酸的含量无显著影响 ($P > 0.05$), 试验 II 组的异丁酸含量显著高于其他试验组 ($P < 0.05$)。2) 在门水平上, 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、变形菌门 (Proteobacteria)、互养菌门 (Synergistetes)、纤维杆菌门 (Fibrobacteres)、放线菌门 (Actinobacteria)、变形杆菌门 (Epsilonbacteraeota)、螺旋体门 (Spirochaetes) 和无壁菌门 (Tenericutes) 的丰富度均无显著影响 ($P > 0.05$)。试验 I 组 (CK) 中疣微菌门 (Verrucomicrobia) 的丰富度显著低于其他组 ($P < 0.05$)。在属水平上, 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物普雷沃氏菌属 (*Prevotella*)、琥珀酸菌属 (*Succinivibrionaceae*)、肠单胞菌属 (*Intestinimonas*)、酪氨酸菌属 (*Tyzzelerella*)、瘤胃球菌属 (*Ruminococcus*)、粪便菌属 (*Faecalicatena*)、假丁酸弧菌属 (*Pseudobutyrvibrio*) 和特氏梭菌属 (*Hungateiclostridium*) 的丰富度无显著影响 ($P > 0.05$)。【结论】啤酒糟替代精料提高了疣微菌门的相对丰富度, 未对湖羊其他瘤胃群落结构和瘤胃微生物群落丰富度产生显著影响。

关键词: 啤酒糟; 湖羊; 挥发性脂肪酸; 瘤胃微生物

中图分类号: S816.4

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2023) 03-0262-09

Effects of Substituting Refined Forage with Beer Lees on Digestion and Microbial Diversity of Hu Sheep Rumen

WANG Yinggang¹, ZHANG Fu^{1,2}, WU Xianfeng^{2,3}, LIN Yunqin⁴, LI Wenyang^{2,3}, LIU Yuan^{2,3*}, LIU Qinghua^{1*}

[1. College of Animal Science (College of Bee science), Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 2. Institute of Animal Husbandry and Veterinary, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou, Fujian 350013, China; 3. Fujian Key Laboratory of Animal Genetics and Breeding, Fuzhou, Fujian 350013, China; 4. Fuqing Animal Husbandry and Veterinary Technical Service Center, Fuqing, Fujian 350300, China]

Abstract: 【Objective】 Effects of substituting refined meal in forage with beer brewing residues on the digestion and microbial diversity of rumen of Hu sheep were studied to explore the feasibility of utilization of the waste material.

收稿日期: 2022-11-20 初稿; 2023-02-01 修改稿

作者简介: 王迎港 (1997-), 男, 硕士, 研究方向: 动物饲料与营养 (E-mail: 1261184431@qq.com)

* 通信作者: 刘远 (1985-), 男, 副研究员, 研究方向: 地方山羊品种种质特性及营养需要量研究 (E-mail: seayuan521@163.com); 刘庆华 (1970-), 男, 博士, 副教授, 硕士生导师, 研究方向: 动物饲料与营养 (E-mail: 83793089@163.com)

基金项目: 福建省科技计划公益类专项 (2020R10260014、2022R10260015); 福建省农业高质量发展超越“5511”协同创新工程项目 (XTCXGC2021008); 福建省农业科学院科技创新团队建设项目 (CXTD2021006-2); 福建省农业科学院引导性科技创新项目 (YDXM202207)

【Methods】 Twenty-four healthy Hu sheep with similar body weight of (15.90 ± 0.36) kg were randomly divided into 4 groups. The animals were fed with a basic forage that consisted of corn and soybean meal at 36% as control (Group I) or one that used beer lees to replace 1/3 (Group II), 2/3 (Group III), or total (Group IV) of the meal. At end of the feeding period, 3 sheep were randomly selected from each group to determine the digestion indicators and microbial diversity in the rumen fluid.

【Results】 (1) None of the substitutions showed significant differences on volatile fatty acids, pH, ammonia nitrogen, or acetic acid in the rumen ($P > 0.05$), but significantly higher on isobutyric acid in Group II than others ($P < 0.05$). (2) At phylum level, no significant differences on richness of diversity were introduced by the substitutions on Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Synergistetes, Fibrobacteres, Actinobacteria, Epsilonbacteraeota, Spirochaetes, and Tenericutes ($P > 0.05$). However, the diversity of Verrucomicrobia in Group I was significantly lower ($P < 0.05$). At genus level, the beer lees replacements in the forage did not significantly alter the diversity on *Prevotella*, *Succiniclasticum*, *Intestinimonas*, *Tyzzzeria*, *Ruminococcus*, *Faecalicatena*, *Pseudobutyrvibrio*, and *Hungateiclostridiumhad* ($P > 0.05$). 【Conclusion】 The replacement of the refined meal in forage with beer lees reduced the relative richness of Verrucobacteria but did not significantly changed the microbial community structure and diversity of the rumen fluid.

Key words: Beer lees; Hu sheep; volatile fatty acids; rumen microorganism

0 引言

【研究意义】我国饲料原料长期依赖进口，随着国际局势和疫情的双重影响，豆粕、玉米等饲料原料的价格不断上升，严重影响畜牧业的健康发展。合理利用非常规饲料资源，降低饲养成本，对我国畜牧业的发展具有重要意义^[1]。啤酒糟（Brewer's grain）是啤酒生产过程中残留的固体物质^[2]，主要由麦芽皮壳、不溶性蛋白质、半纤维素、脂肪及少量未分解淀粉和未洗出的可溶性浸出物等组成^[3]，并富含均衡的氨基酸和微量元素^[4]，是一种产量和营养价值都很高的非常规饲料原料^[5]。瘤胃是反刍动物特有的消化器官，瘤胃中的微生物是反刍动物降解、利用饲料的主要途径^[6]，瘤胃中微生物不仅对饲料的消化至关重要，而且在维持宿主消化道稳态及免疫健康等方面也发挥着重要作用^[7]。【前人研究进展】啤酒糟在反刍动物中的应用研究表明，饲料中添加啤酒糟对牛、羊等反刍动物的生长性能无不良影响，可促进养殖经济效益。Hatungimana等^[8]研究表明在犊牛饲料中添加20%啤酒糟对犊牛生长性能和营养消化率无负面影响。Imaizumi等^[9]研究表明用20%的啤酒糟替代豆粕饲喂奶牛，对干物质采食量（DMI）无影响，且能提高奶牛的产奶量和乳脂含量。黄继康等^[10]研究表明啤酒糟在肉羊中的替代量为40%时，可以使肉羊日增重提高10%~12.8%。FACCENDA等^[11]研究表明啤酒糟可以替代高达75%的豆粕，可用于饲喂哺乳期奶牛，不影响奶牛的瘤胃微生物效率，且可提高干物质消化率、产奶效率和经济效益。羊对啤酒糟饲料具有更好的适应性，目前啤酒糟在肉羊生产中也有广泛的应用。啤酒渣占比48%的饲料仍然能维持羊瘤胃微生物环境的平衡，并改善瘤胃的发酵状况^[12]。【本研究切入

点】本课题组前期研究表明，啤酒糟作为精料补充料能促进湖羊的采食，且对生长和健康无负面影响^[13]，但关于啤酒糟对湖羊瘤胃发酵和微生物结构的影响研究较少，饲料中啤酒糟的不同替代比例对湖羊瘤胃的影响尚不明确。【拟解决的关键问题】本研究以湖羊为试验对象，通过饲料中用啤酒糟替代不同比例的精料，探索其对湖羊瘤胃发酵和微生物多样性的影响，为啤酒糟在湖羊上的高效饲料化利用提供可能的机制机理分析。

1 材料与方法

1.1 试验材料

新鲜啤酒糟产自福建武夷兴华实业有限公司。经发酵后，啤酒糟的干物质含量为25.21%，总能为 $16.57 \text{ MJ} \cdot \text{kg}^{-1}$ ，有机物（OM）、脂肪（EE）、粗蛋白（CP）、中性洗涤纤维（NDF）、酸性洗涤纤维（ADF）、钙（Ca）和磷（P）含量分别为96.08%、5.40%、26.31%、52.15%、25.40%、0.44%和0.18%^[13]。

1.2 试验设计

试验于2021年7-8月在福建省农业科学院渔溪肉羊养殖基地内进行。采用单因素随机试验设计，选择体况良好、体重相近的3月龄断奶湖羊公羊24只，体重 (15.90 ± 0.36) kg，随机分为4组：试验I组（CK）、试验II组、试验III组和试验IV组，每组6只试验羊，每只羊为1个重复。试验开始前统一对试验羊进行驱虫和健胃。试验期间，试验羊均单独圈养于自制笼（规格为 $1.5 \text{ m} \times 0.8 \text{ m}$ ）进行育肥试验。

参照《肉羊饲养标准》（NY/T 816—2004）^[14]中生长育肥绵羊14 kg体重、日增重0.2 kg的营养需要配制基础饲料，玉米、豆粕为精料，占比36%。在此基础上，试验I组为对照组，饲喂基础饲料，试

验Ⅱ、Ⅲ和Ⅳ组分别利用啤酒糟替代基础饲料中 1/3、2/3 和全部精料配制试验饲料，饲料组成及营养成分见表 1^[13]。其中代谢能（ME）参照刘洁^[15]的方法计算。

育肥试验全期 37 d，其中预试期 7 d，正试期 30 d。根据预饲期内试验羊只的采食量确定正式期的饲料日投喂量，正式期内每天 08：00 和 20：00 各投喂日饲喂量的 1/2，自由饮水。

1.3 样品采集与指标测定

1.3.1 瘤胃液采集与保存 正式期结束后的第一天上午 8：00，每组随机抽取 3 只试验羊，每只试验羊用瘤胃管采集瘤胃液约 100 mL，分别测定 pH（便

携式酸度计 PHB-1 型，杭州奥立龙仪器有限公司）；采用 4 层纱布过滤，取瘤胃液于冻存管中，投入液氮保存。一部分瘤胃液-20℃保存，用于测定瘤胃发酵参数；另一部分瘤胃液-80℃保存，用于测定瘤胃微生物多样性。

1.3.2 瘤胃发酵参数测定 氨态氮含量采用苯酚-次氯酸钠比色法^[16]测定。挥发性脂肪酸（VFA）含量采用气相色谱（GC-4000A，东西分析仪器有限公司）法测定。

1.3.3 瘤胃微生物多样性测定 将每组 3 个共 12 个瘤胃液样品在 4℃、12 000 r·min⁻¹ 下离心 15 min，使用 DNA 试剂盒提取和纯化瘤胃液中的总 DNA。使用琼脂糖凝胶电泳、Qubit 和 Nanodrop 8000 分光光度计（热科学公司，美国纽约）测定 DNA 的浓度和纯度，测序均由百迈客生物科技有限公司完成。测序基于 Illumina HiSeq 测序平台，利用双末端测序（Paired-End）的方法，构建小片段文库进行测序。通过对 Reads 拼接过滤、聚类或去噪，使用 Usearch 软件^[17]对 Reads 在 97.0% 相似度水平下进行聚类，获得分类操作单元（OTU），使用 RDP classifier 2.2 软件进行 OTU 物种解释。使用 QIIME 软件，对瘤胃液 Alpha 多样性指数进行评估；利用 Metastats^[18]软件对组间差异进行分析；使用 PICRUST2 进行功能基因预测。

1.4 数据分析

利用 Excel 2022 对数据进行统计和整理，利用 SPSS 26.0 软件进行方差分析，并应用 Duncan 氏法进行多重比较，*P*<0.05 为差异显著。

2 结果与分析

2.1 试验羊的瘤胃发酵参数

由表 2 可知，啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃的 pH 值、氨态氮、乙酸、丙酸、丁酸、异戊酸、戊酸和乙酸/丙酸无显著影响（*P*>0.05）；试验Ⅱ组的异丁酸含量显著高于其他试验组（*P*<0.05）。

2.2 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物多样性的影响

2.2.1 湖羊瘤胃样品序列测序深度和瘤胃微生物 Alpha 多样性 对 12 组瘤胃液样本进行测序，共获得 917 854 对原始序列（Raw reads），平均每个样本原始序列数为 76 488。双端序列过滤后共产生 916 842 条高质量序列（Clean reads），平均每个样本至少产生 76 404 个高质量序列。各组 OTUs 个数分别为 1 641、

表 1 基础饲料成分及营养水平（干物质基础）
Table 1 Nutritional composition of basal diet (DM basis)

项目 Items	试验 I 组 Group I	试验 II 组 Group II	试验 III 组 Group III	试验 IV 组 Group IV
原料 Ingredients				
啤酒糟 Brewers dried grain/%	0.00	12.00	24.00	36.00
玉米 Corn/%	24.00	16.00	8.00	0.00
豆粕 Soybean meal/%	12.00	8.00	4.00	0.00
谷壳粉 Chaff bran/%	9.00	9.00	9.00	9.00
杂交狼尾草 Hybrid penisetum/%	51.50	51.50	51.50	51.50
磷酸氢钙 CaHPO ₄ /%	0.50	0.50	0.50	0.50
石粉 Limestone/%	1.50	1.50	1.50	1.50
食盐 NaCl/%	0.50	0.50	0.50	0.50
预混料 Premix ¹⁾ /%	1.00	1.00	1.00	1.00
合计 Total/%	100.00	100.00	100.00	100.00
营养水平 Nutrient levels ²⁾				
有机物 OM/%	90.18	90.12	90.11	89.75
代谢能 ME/（MJ·kg ⁻¹ ）	9.52	9.19	8.56	8.14
总能 GE/（MJ·kg ⁻¹ ）	17.00	16.80	16.68	16.56
中性洗涤纤维 NDF/%	46.98	49.38	54.07	57.13
酸性洗涤纤维 ADF/%	26.54	28.91	30.20	30.71
粗蛋白质 CP/%	12.20	12.60	13.27	13.71
钙 Ca/%	0.77	0.78	0.81	0.83
总磷 TP/%	0.23	0.24	0.24	0.25

1) 每千克饲料预混料中含有 Cu 20.0 mg，Fe 80.0 mg，Mn 30.0 mg，Zn 80.0 mg，I 1 mg，Se 0.30 mg，VA 20 000 IU，VD 5 000 IU，VE 50.0 mg。2) 代谢能为计算值，其他均为实测值。

1) The premix provided the following per kg of diets: Cu 20.0 mg, Fe 80.0 mg, Mn 30.0 mg, Zn 80.0 mg, I 1 mg, Se 0.30 mg, VA 20 000 IU, VD 5 000 IU, VE 50.0 mg. 2) ME is calculated, others are measured values.

表 2 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃发酵参数的影响
Table 2 Effects of different forages on Hu sheep rumen digestion indicators

项目 Items	试验 I 组 Group I	试验 II 组 Group II	试验 III 组 Group III	试验 IV 组 Group IV
pH 值 pH value	6.73±0.005	6.99±0.06	6.79±0.07	6.85±0.009
氨态氮 NH ₃ -N/ (mg·dL ⁻¹)	9.40±0.45	9.83±0.54	10.50±0.50	10.97±1.02
乙酸 Acetate/ (mmol·L ⁻¹)	47.35±3.52	49.31±3.68	51.79±3.86	50.97±3.89
丙酸 Propionate/ (mmol·L ⁻¹)	20.53±1.69	21.71±1.72	22.51±2.35	20.57±3.20
异丁酸 Isobutyrate/ (mmol·L ⁻¹)	4.12±0.85 b	6.74±0.71 a	2.47±0.80 b	3.60±0.95 b
丁酸 Butyrate/ (mmol·L ⁻¹)	15.84±2.05	16.34±3.56	18.36±1.20	17.59±1.07
异戊酸 Isovalerate/ (mmol·L ⁻¹)	3.60±1.01	6.48±2.56	5.22±2.20	3.78±2.60
戊酸 Valerate/ (mmol·L ⁻¹)	1.03±0.35	1.56±0.23	1.66±0.39	1.30±0.42
乙酸/丙酸 Acetate/Propionate	2.33±0.20	2.27±0.23	2.31±0.25	2.57±0.24

同行数据后不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。下表同。
In the same row, data with different lowercase letters indicate significant differences($P>0.05$). The same as below.

1275、1188、1206 个, 共有的 OTUs 为 656 个。结果显示, 4 个试验组菌群的构成同时具有相似性和特异性。由表 3 可知, 各试验组的 Simpson 指数差异不显著 ($P>0.05$), 试验 IV 组的 Shannon 指数显著高于其他组 ($P<0.05$), 试验 III 组和试验 IV 组的 Chao1 指数显著高于试验 I 组和试验 II 组 ($P<0.05$), 试验 II 组的 Ace 指数显著低于试验 III 组和试验 IV 组 ($P<0.05$), 试验 IV 组的 Ace 指数显著高于试验 I 组和试验 II 组 ($P<0.05$)。

表 3 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃真菌 Alpha 多样性指数的影响
Table 3 Effects of different forages on fungal alpha diversity index of Hu sheep rumen

项目 Items	试验 I 组 Group I	试验 II 组 Group II	试验 III 组 Group III	试验 IV 组 Group IV
Shannon 指数 Shannon index	7.985±0.062 b	7.932±0.060 b	8.012±0.073 b	8.489±0.059 a
Simpson 指数 Simpson index	0.9887±0.002	0.9886±0.003	0.9851±0.002	0.9917±0.002
Chao1 指数 Chao1 index	851.228±51.106 b	805.601±50.205 b	1056.283±61.488 a	1191.569±58.476 a
Ace 指数 Ace index	929.949±57.366 bc	791.286±48.859 c	1092.112±48.547 ab	1146.678±46.839 a

2.2.2 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物门水平上菌群丰富度的影响 在门水平上选取丰度前十的菌属进行差异分析, 结果(表 4)表明, 湖羊瘤胃微生物菌群在门水平上丰富度前五的是厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形菌门(Proteobacteria)、互养菌门(Synergistetes)和纤维杆菌门(Fibrobacteres)。啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形菌门(Proteobacteria)、互养菌门(Synergistetes)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)、放线菌门(Actinobacteria)、变形杆菌门(Epsilonbacteraeota)、螺旋体门(Spirochaetes)和无壁菌门(Tenericutes)的丰富度均无显著影响($P>0.05$)。试验 I 组中疣微菌门(Verrucomicrobia)的丰富度显著低于试验 II、IV 组($P<0.05$), 试验 II 组中疣微菌门(Verrucomicrobia)的丰富度显著高于试验 I、III 组($P<0.05$)。

2.2.3 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物属水平上菌群丰富度的影响 在属水平上选取丰度前十的菌属进行差异分析, 结果(表 5)表明, 湖羊瘤胃微生物菌群在属水平上丰富度前五的是普雷沃氏菌属(Prevotella)、琥珀酸菌属(Succiniblasticum)、肠单胞菌属(Intestinimonas)、酪氨酸菌属(Tyzzzeria)和 uncultured_bacterium_f_Ruminococcaceae。啤酒糟

表 4 啤酒糟替代饲粮中不同比例精料处理湖羊瘤胃微生物门水平上菌群丰富度
Table 4 Effects of different forages on microbiota richness at phylum level of Hu sheep rumen (单位: %)

项目 Items	试验 I 组 Group I	试验 II 组 Group II	试验 III 组 Group III	试验 IV 组 Group IV
厚壁菌门 Firmicutes	29.86±6.23	37.44±5.61	51.27±8.62	40.58±6.51
拟杆菌门 Bacteroidetes	18.10±3.23	15.76±4.10	11.89±4.28	14.56±3.87
变形菌门 Proteobacteria	1.43±0.23	0.59±0.39	0.86±0.51	0.43±0.21
互养菌门 Synergistetes	1.27±0.20	0.37±0.02	0.18±0.06	0.73±0.25
纤维杆菌门 Fibrobacteres	0.06±0.01	0.78±0.21	0.08±0.02	0.06±0.01
放线菌门 Actinobacteria	0.03±0.01	0.27±0.22	0.15±0.10	0.46±0.20
变形杆菌门 Epsilonbacteraeota	0.087±0.012	0.009±0.001	0.388±0.021	0.001±0.001
螺旋体门 Spirochaetes	0.195±0.052	0.044±0.068	0.080±0.058	0.124±0.060
无壁菌门 Tenericutes	0.008±0.034	0.052±0.038	0.019±0.032	0.026±0.045
疣微菌门 Verrucomicrobia	0.002±0.002 c	0.026±0.003 a	0.011±0.002 bc	0.017±0.005 ab

替代饲粮中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物普雷沃氏菌属 (*Prevotella*)、琥珀酸菌属 (*Succiniclasticum*)、肠单胞菌属 (*Intestinimonas*)、酪氨酸菌属 (*Tyzzerella*)*uncultured_bacterium_f_Ruminococcaceae*、瘤胃球菌属 (*Ruminococcus*)、*uncultured_bacterium_o_Clostridiales*、粪便菌属 (*Faecalicatena*)、假丁酸弧菌属 (*Pseudobutyrvibrio*) 和特氏梭菌属 (*Hungateiclostridium*) 的丰富度无显著影响。

表 5 啤酒糟替代饲粮中不同比例精料处理湖羊瘤胃微生物属水平上菌群丰富度
Table 5 Effects of different forages on microbiota richness at genus level of Hu sheep rumen (单位: %)

项目 Items	试验 I 组 Group I	试验 II 组 Group II	试验 III 组 Group III	试验 IV 组 Group IV
普雷沃氏菌属 <i>Prevotella</i>	17.94±3.95	15.68±3.94	10.61±3.95	14.46±3.95
琥珀酸菌属 <i>Succiniclasticum</i>	4.24±1.87	2.37±1.64	6.68±1.34	9.21±1.52
肠单胞菌属 <i>Intestinimonas</i>	3.34±1.82	4.43±1.42	4.67±2.10	6.62±2.87
酪氨酸菌属 <i>Tyzzerella</i>	4.07±1.56	4.05±1.30	6.05±0.89	3.32±1.20
<i>Uncultured_bacterium_f_Ruminococcaceae</i>	1.20±1.95	4.16±2.01	7.09±3.56	3.71±1.89
瘤胃球菌属 <i>Ruminococcus</i>	2.63±1.56	2.90±0.89	3.59±0.85	3.58±1.02
<i>Uncultured_bacterium_o_Clostridiales</i>	4.09±1.56	1.67±1.02	2.19±0.89	2.23±1.33
粪便菌属 <i>Faecalicatena</i>	0.03±0.00	1.58±1.14	3.63±0.87	0.52±0.23
假丁酸弧菌属 <i>Pseudobutyrvibrio</i>	0.59±0.23	1.36±0.65	1.21±0.56	2.30±0.75
特氏梭菌属 <i>Hungateiclostridium</i>	0.62±0.05	2.00±0.25	1.85±0.52	0.38±0.03

2.2.4 功能基因预测分析 使用 PICRUST2 软件, 将待预测的特征序列与微生物基因数据库参考序列对齐构建进化树, 并对已有的系统发育树进行物种注释, 通过 KEGG 代谢途径的组成及差异分析, 对瘤胃微生物群落功能进行预测。结果 (表 6) 表明, 啤

酒糟替代饲粮中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物的代谢途径、次生代谢产物的生物合成、抗生素的生物合成、氨基酸的生物合成、不同环境中的微生物代谢、碳代谢、ABC 转运、嘌呤代谢和嘧啶代谢的功能无显著影响。

表 6 啤酒糟替代饲料中不同比例精料处理湖羊瘤胃微生物功能预测的基因占比
Table 6 Effects of different forages on genes proportion of predicted functions of microbial community in Hu sheep rumen
(单位：%)

项目 Items	试验 I 组 Group I	试验 II 组 Group II	试验 III 组 Group III	试验 IV 组 Group IV
代谢途径 Metabolic pathways	17.43±0.89	17.25±0.89	17.19±0.89	17.34±0.89
次生代谢产物的生物合成 Biosynthesis of secondary metabolites	8.00±0.02	7.96±0.02	8.05±0.02	8.05±0.02
抗生素的生物合成 Biosynthesis of antibiotics	5.84±0.02	5.83±0.02	5.87±0.02	5.87±0.02
氨基酸的生物合成 Biosynthesis of amino acids	4.10±0.07	4.22±0.07	4.35±0.07	4.26±0.07
不同环境中的微生物代谢 Microbial metabolism in diverse environments	3.78±0.02	3.76±0.02	3.76±0.02	3.75±0.02
碳代谢 Carbon metabolism	2.62±0.02	2.60±0.02	2.56±0.02	2.58±0.02
ABC 转运 ABC transporters	2.20±0.14	2.41±0.14	2.62±0.14	2.39±0.14
嘌呤代谢 Purine metabolism	2.11±0.01	2.12±0.01	2.10±0.01	2.10±0.01
嘧啶代谢 Pyrimidine metabolism	1.82±0.02	1.83±0.02	1.79±0.02	1.83±0.02

3 讨论

3.1 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃发酵的影响

瘤胃 pH 是反刍动物瘤胃环境稳态和瘤胃发酵程度的综合指标^[19]，瘤胃 pH 不仅受到食糜中挥发性脂肪酸 VFA 与唾液中缓冲盐之间相互作用的影响，而且还受到瘤胃上皮吸收 VFA 和与食糜流出的影响。瘤胃的最佳 pH 在 6.00~7.00，适合支持瘤胃微生物的活性，特别是纤维素降解菌^[20]。本研究中，在替代不同水平的啤酒糟后，湖羊瘤胃内 pH 在 6.73~6.99 内变动，无显著变化，说明啤酒糟的替代对瘤胃液 pH 无影响。

NH₃-N 的浓度可以反映饲料中含氮物质的降解和微生物对氮的利用，瘤胃液最适 NH₃-N 范围为 8~10 mg·dL⁻¹，但 6.3~27.5 mg·dL⁻¹ 也属于正常变动范围^[21]，适宜的 NH₃-N 浓度对瘤胃微生物合成菌体蛋白非常重要。本研究中，NH₃-N 的浓度为 9.40~10.97，处于正常范围内，并且啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃的 NH₃-N 浓度无显著影响。因此，啤酒糟替代精料可以满足动物对微生物蛋白的需要，不会对瘤胃发酵中的 NH₃-N 浓度产生不良影响。

挥发性脂肪酸 VFA 作为一种化学因子，包括乙酸、丙酸、丁酸和戊酸等，主要由瘤胃微生物降解膳食碳水化合物产生，VFA 一方面可以作为一种刺激因子促进瘤胃的发育，另一方面有 95% 的 VFA 可被利用进行氧化供能或合成脂肪^[22]。研究表明，瘤胃中的白色瘤胃球菌 (*Ruminococcus*)、丁酸弧菌

(*Butyrivibrio*) 和梭菌 (*Clostridium*) 主要产生乙酸，而 *Succiniclasticum* 也可以利用琥珀酸生成丙酸^[23]。本研究中，啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃的氨态氮和乙酸等 VFA 的含量无显著影响，可能是啤酒糟替代饲料中不同比例精料对饲料中碳水化合物化合物的影响较小，进而没有改变瘤胃 VFA 产量和吸收速率。这与上文中对瘤胃 pH 值的影响结果相同。异丁酸和异戊酸均属于异位酸，异位酸还可以促进瘤胃内支链氨基酸的生物合成，促进微生物蛋白的合成；而且异位酸对瘤胃内的纤维降解菌有促进作用^[24]。研究表明饲料的营养成分可显著影响瘤胃内 VFA 浓度^[25-26]。本研究中，试验 II 组的异丁酸含量显著高于其他试验组，可能是啤酒糟的替代为 3/1 时使瘤胃微生物发生变化，使异丁酸的含量上升。黄雅莉^[27]研究表明啤酒糟替代饲料中 25%~50% 的豆粕对水牛体外瘤胃发酵特性无显著影响；瘤胃培养液中微生物蛋白质、乙酸、丙酸、丁酸和总挥发性脂肪酸含量无显著差异。这与本研究的结果相同。

3.2 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物多样性的影响

Alpha 多样性 (Alpha diversity) 反映的是单个样品物种丰度 (Richness) 及物种多样性 (Diversity)，有多种衡量指标：Chao1、Ace、Shannon 和 Simpson。Chao1 和 Ace 指数衡量物种丰度即物种数量的多少。Shannon 和 Simpson 指数用于衡量微生物物种多样性，受样品微生物群落中物种丰度和物种均匀度 (Community evenness) 的影响。相同物种丰度的情况下，群落中各物种具有越大的均匀度，则认为群

落具有越大的多样性, Shannon 指数和 Simpson 指数值越大, 说明样品的微生物物种多样性越高^[28]。饲料是影响瘤胃发酵和瘤胃微生物群的最重要因素之一^[29]。本试验结果表明, 啤酒糟替代基础饲料中全部的精料时, Shannon 指数的 Ace 指数显著高于其他组, 说明啤酒糟可增加瘤胃微生物物种丰度及物种多样性。啤酒糟经过发酵产生了大量的微生物, 随着在饲料中替代比例的增加, 导致瘤胃细菌丰富度及多样性增加。本试验所有试验组覆盖率都在 99% 以上, 表明测序深度能够准确反映湖羊瘤胃微生物细菌群落的丰度及多样性。

在目前的研究中, 细菌在湖羊的瘤胃微生物群落中占主导地位, 在门水平上湖羊瘤胃中占主导地位的为厚壁菌门和拟杆菌门^[30-31]。在本试验中, 瘤胃微生物菌群在门水平上丰富度较高的依次是厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门和互养菌门, 这与 Mu 等^[32]的研究结果相同。拟杆菌门是瘤胃微生物群的核心^[33], 可以协助宿主进行聚糖分解, 增强营养物质的消化和吸收。厚壁菌门可以提高基因编码酶的丰度与能量代谢^[34], 高比例的厚壁菌门可以促进寡糖、淀粉和纤维素消化^[35], 然后提高瘤胃发酵水平, 帮助羊消化和吸收营养。厚壁菌门和拟杆菌门对瘤胃微生物具有重要的作用^[36], 可以加强宿主的免疫作用, 并维持瘤胃微生态平衡^[37]。厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门和互养菌门是瘤胃中最具纤维降解性的细菌, 可以分泌各种高效纤维分解酶, 通过植物细胞壁木质素层对纤维进行分解, 促进纤维和木质素分解^[38]。本试验研究表明, 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门、互养菌门、纤维杆菌门、放线菌门、变形杆菌门和螺旋体门的丰富度均无显著影响。啤酒糟替代饲料中不同比例精料对饲料的营养成分有一定影响, 饲料中的营养成分特别是 ADF、NDF 及 ADF 和 NDF 的比例是影响瘤胃微生物在门水平上丰富度的最重要因素^[39]。本研究中, 当啤酒糟替代饲料中精料比例增加时, 会使厚壁杆菌的丰富度增加, 可能是因为啤酒糟的添加使饲料中的 NDF 含量增加, 使厚壁杆菌的丰富度增加。这与 Song 等^[40]的研究相同。啤酒糟替代饲料中精料, 增加了疣微菌门的丰富度, 当啤酒糟替代饲料中精料 1/3 时, 疣微菌门的丰富度显著高于其他组, 然而疣微菌门在瘤胃微生物群落中占比较少, 对瘤胃微生物群落无太大影响。

本研究表明, 在属水平上, 普雷沃氏菌属是瘤胃微生物中丰富度最高的属, 随后依次是琥珀酸菌属、肠单胞菌属、络氨酸菌属和 *uncultured_bacterium_f*

Ruminococcaceae。这与 Guo 等^[41]的研究相同。普雷沃氏菌属是拟杆菌门中的主要属, 对糖酵解、糖异生、柠檬酸循环和戊糖磷酸途径具有重要的影响, 并且被认为是瘤胃中木糖降解的重要贡献者^[42]。Chiquette 等^[43]研究发现普雷沃氏菌属的丰富度和瘤胃 pH 成负相关。琥珀酸菌属作为一种参与丙酸合成的重要中间体, 通过糖异生途径生成葡萄糖^[44], 而琥珀酸菌属可以利用琥珀酸生成丙酸^[45]。本研究表明, 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对普雷沃氏菌属、琥珀酸菌属、肠单胞菌属、络氨酸菌属、*uncultured_bacterium_f_Ruminococcaceae*、瘤胃球菌属、*uncultured_bacterium_o_Clostridiales*、粪便菌属、假丁酸弧菌属和特氏梭菌属的丰富度无显著影响, 这与上文中对瘤胃发酵参数的影响相一致。

成年反刍动物的瘤胃就像一个大的厌氧发酵罐, 里面的瘤胃微生物(细菌、原虫、真菌)对植物进行发酵降解^[46]。瘤胃微生物菌群既是反刍动物中重要的蛋白质来源, 也是反刍动物通过纤维发酵产生挥发性脂肪酸(VFA)的主要能量来源。瘤胃微生物发酵降解是反刍动物降解、利用饲料纤维的主要途径。本研究将湖羊瘤胃细菌测序数据与 KEGG 数据库进行比对表明, 预测功能最多集中在新陈代谢的基因, 除此之外, 富集在次生代谢物的生物合成、抗生素的生物合成、氨基酸的生物合成以及不同环境中的微生物代谢的基因也较多, 这与张瑜等^[47]的研究相似。啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃微生物群落的功能无显著影响。这与本研究中啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊瘤胃细菌在门和属水平上的影响一致。但本试验样本数量过少, 代谢功能预测可信度偏低, 需要进一步开展大样本的试验进行验证。

4 结论

在本试验的条件下, 啤酒糟替代精料提高了疣微菌门的相对丰富度, 未对湖羊其他瘤胃群落结构和瘤胃微生物群落丰富度产生显著影响。

参考文献:

- [1] 汪成, 王之盛, 胡瑞, 等. 不同类型白酒糟对西杂牛生长性能、养分表观消化率、血清生化指标及瘤胃发酵参数的影响[J]. *动物营养学报*, 2021, 33 (2): 913-922.
- WANG C, WANG Z S, HU R, et al. Effects of different types of white distiller's grains on growth performance, nutrient apparent digestibility, serum biochemical indexes and rumen fermentation parameters of Simmental crossbred cattle [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2021, 33 (2): 913-922. (in Chinese)
- [2] 宾冬梅. 啤酒糟发酵研究进展[J]. *湖南农业科学*, 2013 (22):

- 32–35.
- BIN D M. Research progress of beer lees fermentation [J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2013 (22) : 32–35. (in Chinese)
- [3] 张磊, 徐杨, 潘孝青, 等. 啤酒糟发酵饲料研究进展 [J]. *饲料研究*, 2022, 45 (3) : 154–156.
- ZHANG L, XU Y, PAN X Q, et al. Research progress on fermented feed from brewer's grains [J]. *Feed Research*, 2022, 45 (3) : 154–156. (in Chinese)
- [4] 谢华德, 谢芳, 梁辛, 等. 乳酸菌和啤酒糟对象草青贮发酵品质及营养价值的影响 [J]. *饲料研究*, 2021, 44 (9) : 99–103.
- XIE H D, XIE F, LIANG X, et al. Effect of wet brewers' grains and lactic acid bacteria supplementation on the qualities and nutrients concentration of elephant grass silage [J]. *Feed Research*, 2021, 44 (9) : 99–103. (in Chinese)
- [5] 中华人民共和国统计局. 中国统计年鉴[M]. 北京: 中国统计出版社, 2021.
- [6] 毛胜勇, 朱伟云. 反刍动物瘤胃真菌在饲料降解中的作用 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2000 (12) : 31–33.
- MAO S Y, ZHU W Y. Function of rumen fungi in rumen of ruminants in feed degradation [J]. *Heilongjiang Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, 2000 (12) : 31–33. (in Chinese)
- [7] 马健, 范雪, 陈晖, 等. 奶牛瘤胃微生物的研究进展 [J]. *中国奶牛*, 2019 (6) : 6–11.
- MA J, FAN X, CHEN H, et al. Research progress of rumen microorganism in dairy cows [J]. *China Dairy Cattle*, 2019 (6) : 6–11. (in Chinese)
- [8] HATUNGIMANA E, STAHL T C, ERICKSON P S. Growth performance and apparent total tract nutrient digestibility of limit-fed diets containing wet brewer's grains to Holstein heifers [J]. *Translational Animal Science*, 2020, 4 (3) : txaa079.
- [9] IMAIZUMI H, BATISTEL F, DE SOUZA J, et al. Replacing soybean meal for wet brewer's grains or urea on the performance of lactating dairy cows [J]. *Tropical Animal Health and Production*, 2015, 47 (5) : 877–882.
- [10] 黄继康, 高杨, 张同平, 等. 啤酒糟在肉羊生产中应用观察 [J]. *中国畜禽种业*, 2018, 14 (11) : 122.
- HUANG J K, GAO Y, ZHANG T P, et al. Observation on the application of beer lees in mutton sheep production [J]. *The Chinese Livestock and Poultry Breeding*, 2018, 14 (11) : 122. (in Chinese)
- [11] FACCENDA A, ZAMBOM M A, CASTAGNARA D D, et al. Use of dried brewers' grains instead of soybean meal to feed lactating cows [J]. *Revista Brasileira De Zootecnia*, 2017, 46 (1) : 39–46.
- [12] 李鹏程. 啤酒糟对育肥山羊瘤胃发酵及宏基因组的影响[D]. 绵阳: 西南科技大学, 2021.
- LI P C. Effects of brewer's grains on rumen fermentation and metagenome of fattening goats[D]. Mianyang: Southwest University of Science and Technology, 2021. (in Chinese)
- [13] 李文杨, 王迎港, 吴贤锋, 等. 啤酒糟替代饲料中不同比例精料对湖羊生长性能、营养物质表观消化率、氮代谢和血清生化指标的影响 [J]. *动物营养学报*, 2022, 34 (10) : 6539–6549.
- LI W Y, WANG Y G, WU X F, et al. Effects of different proportions of concentrate replaced by brewer's grains in diets on growth performance, nutrient apparent digestibility, nitrogen metabolism and serum biochemical indices of hu sheep [J]. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2022, 34 (10) : 6539–6549. (in Chinese)
- [14] 中华人民共和国农业部. 肉羊饲养标准: NY/T 816—2004[S]. 北京: 中国农业出版社, 2004.
- [15] 刘洁. 肉用绵羊饲料代谢能与代谢蛋白质预测模型的研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2012.
- LIU J. Prediction of metabolizable energy and metabolizable protein in feeds for meat sheep[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2012. (in Chinese)
- [16] 郭旭东. 芦丁对奶牛泌乳性能、瘤胃消化代谢和对大鼠乳腺发育的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2011.
- GUO X D. Studies of rutin's role on lactation performance, the rumen digestion and metabolism in dairy cows, and the development of mammary glands in rats[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2011. (in Chinese)
- [17] EDGAR R C. UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, 10 (10) : 996–998.
- [18] WHITE J R, NAGARAJAN N, POP M. Statistical methods for detecting differentially abundant features in clinical metagenomic samples [J]. *PLoS Computational Biology*, 2009, 5 (4) : e1000352.
- [19] WANG C, LIU Q, GUO G, et al. Effects of rumen-protected folic acid on ruminal fermentation, microbial enzyme activity, cellulolytic bacteria and urinary excretion of purine derivatives in growing beef steers [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2016, 221: 185–194.
- [20] HALL M B. Challenges with nonfiber carbohydrate methods, [J]. *Journal of Animal Science*, 2003, 81 (12) : 3226–3232.
- [21] 吕永艳, 蔡李逢, 崔海净, 等. 奶牛日粮中复合处理玉米秸与苜蓿及精料的最佳组合研究 [J]. *中国饲料*, 2012 (19) : 14–18.
- LÜ Y Y, CAI L F, CUI H J, et al. The optimal combination of complex treatment of maize straw, alfalfa hay and concentrate in dairy cattle dietary [J]. *China Feed*, 2012 (19) : 14–18. (in Chinese)
- [22] 苏勇华, 方雷, 应璐, 等. 枯草芽孢杆菌对多浪羊消化率、瘤胃发酵参数及血液指标的影响 [J]. *江苏农业科学*, 2018, 46 (8) : 162–166.
- SU Y H, FANG L, YING L, et al. Effects of *Bacillus subtilis* on nutrient digestibility, rumen fermentation and blood indices of Duolang sheep [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2018, 46 (8) : 162–166. (in Chinese)
- [23] REZAEI J, ROUZBEHAN Y, FAZAELI H, et al. Effects of substituting amaranth silage for corn silage on intake, growth performance, diet digestibility, microbial protein, nitrogen retention and ruminal fermentation in fattening lambs [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2014, 192: 29–38.
- [24] 王绿叶, 和东迁, 张倩, 等. 不同剩余采食量滩羊瘤胃发酵参数的研究 [J]. *中国草食动物科学*, 2022, 42 (4) : 69–73.
- WANG L Y, HE D Q, ZHANG Q, et al. Study on rumen fermentation parameters of Tan sheep with different residual feed intake [J]. *China Herbivore Science*, 2022, 42 (4) : 69–73. (in Chinese)
- [25] 张兴夫, 钱英红, 李国东, 等. 不同粗饲料日粮对西门塔尔繁殖母羊瘤胃发酵和血液指标的影响 [J]. *畜牧与饲料科学*, 2022, 43 (5) : 22–28.
- ZHANG X F, QIAN Y H, LI G D, et al. Effects of different forage

- diets on ruminal fermentation and blood parameters of Simmental brood cows [J]. *Animal Husbandry and Feed Science*, 2022, 43 (5) : 22–28. (in Chinese)
- [26] 曹善勇. 肉牛常用饲料瘤胃降解特性及日粮类型对瘤胃发酵影响的研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2015.
- CAO S Y. The degradation characteristics of common feeds of beef cattle and the influence of diet type on rumen fermentation[D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2015. (in Chinese)
- [27] 黄雅莉. 啤酒糟、木薯渣对奶水牛体外瘤胃发酵特性和产奶性能的影响[D]. 南宁: 广西大学, 2012.
- HUANG Y L. Effects of distiller's grains and cassava pulp on rumen fermentation characteristics in vitro and milk performance of water buffalo[D]. Nanning: Guangxi University, 2012. (in Chinese)
- [28] GRICE E A, KONG H H, CONLAN S, et al. Topographical and temporal diversity of the human skin microbiome [J]. *Science*, 2009, 324 (5931) : 1190–1192.
- [29] LI H Y, LI S N, WANG S X, et al. Degradation of lignocellulose in the corn straw by *Bacillus amyloliquefaciens* MN-8 [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26 (5) : 1404–1410.
- [30] ALZAHAL O, LI F Y, GUAN L L, et al. Factors influencing ruminal bacterial community diversity and composition and microbial fibrolytic enzyme abundance in lactating dairy cows with a focus on the role of active dry yeast [J]. *Journal of Dairy Science*, 2017, 100 (6) : 4377–4393.
- [31] KITTELMANN S, KIRK M R, JONKER A, et al. Buccal swabbing as a noninvasive method to determine bacterial, archaeal, and eukaryotic microbial community structures in the rumen [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, 81 (21) : 7470–7483.
- [32] MU C T, DING N, HAO X Y, et al. Effects of different proportion of buckwheat straw and corn straw on performance, rumen fermentation and rumen microbiota composition of fattening lambs [J]. *Small Ruminant Research*, 2019, 181: 21–28.
- [33] SINGH K M, AHIR V B, TRIPATHI A K, et al. Metagenomic analysis of Surti buffalo (*Bubalus bubalis*) rumen: A preliminary study [J]. *Molecular Biology Reports*, 2012, 39 (4) : 4841–4848.
- [34] KAAKOUSH N O. Insights into the role of Erysipelotrichaceae in the human host [J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2015, 5: 84.
- [35] ALI AHMAD A, YANG C, ZHANG J B, et al. Effects of dietary energy levels on rumen fermentation, microbial diversity, and feed efficiency of yaks (*Bos grunniens*) [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 625.
- [36] STAPPENBECK T S, HOOPER L V, GORDON J I. Developmental regulation of intestinal angiogenesis by indigenous microbes via Paneth cells [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2002, 99 (24) : 15451–15455.
- [37] SEARS C L. A dynamic partnership: Celebrating our gut flora [J]. *Anaerobe*, 2005, 11 (5) : 247–251.
- [38] WANG L L, HATEM A, CATALYUREK U V, et al. Metagenomic insights into the carbohydrate-active enzymes carried by the microorganisms adhering to solid digesta in the rumen of cows [J]. *PLoS One*, 2013, 8 (11) : e78507.
- [39] PETRI R M, SCHWAIGER T, PENNER G B, et al. Changes in the rumen epimural bacterial diversity of beef cattle as affected by diet and induced ruminal acidosis [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79 (12) : 3744–3755.
- [40] SONG S D, CHEN G J, GUO C H, et al. Effects of exogenous fibrolytic enzyme supplementation to diets with different NFC/NDF ratios on the growth performance, nutrient digestibility and ruminal fermentation in Chinese domesticated black goats [J]. *Animal Feed Science and Technology*, 2018, 236: 170–177.
- [41] GUO W, GUO X J, XU L N, et al. Effect of whole-plant corn silage treated with lignocellulose-degrading bacteria on growth performance, rumen fermentation, and rumen microflora in sheep [J]. *Animal:an International Journal of Animal Bioscience*, 2022, 16 (7) : 100576.
- [42] KRAUSE D O, DENMAN S E, MACKIE R I, et al. Opportunities to improve fiber degradation in the rumen: Microbiology, ecology, and genomics [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2003, 27 (5) : 663–693.
- [43] CHIQUETTE J, ALLISON M J, RASMUSSEN M. Use of *Prevotella bryantii* 25A and a commercial probiotic during subacute acidosis challenge in midlactation dairy cows [J]. *Journal of Dairy Science*, 2012, 95 (10) : 5985–5995.
- [44] REICHARDT N, DUNCAN S H, YOUNG P, et al. Erratum: Phylogenetic distribution of three pathways for propionate production within the human gut microbiota [J]. *The ISME Journal*, 2014, 8 (6) : 1352.
- [45] DIAS J, MARCONDES M I, NORONHA M F, et al. Effect of pre-weaning diet on the ruminal archaeal, bacterial, and fungal communities of dairy calves [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 1553.
- [46] 祁敏丽. 反刍动物瘤胃发育研究进展 [J]. *中国草食动物科学*, 2015, 35 (5) : 62–65.
- QI M L. Review on rumen development [J]. *China Herbivore Science*, 2015, 35 (5) : 62–65. (in Chinese)
- [47] 张瑜, 张叁保, 申玉建, 等. 2个品种山羊瘤胃菌群结构比较及其功能预测分析 [J]. *南方农业学报*, 2022, 53 (6) : 1724–1733.
- ZHANG Y, ZHANG S B, SHEN Y J, et al. Rumen microbial community structure comparison and function prediction of two goat breeds [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2022, 53 (6) : 1724–1733. (in Chinese)

(责任编辑: 张梅)